

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公 開 特 許 公 報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開2000-139457

(P2000-139457A)

(43) 公開日 平成12年5月23日 (2000.5.23)

(51) Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テマコード* (参考)
C 1 2 N 9/12		C 1 2 N 9/12	4 B 0 2 4
1/21		1/21	4 B 0 5 0
15/09	Z N A	15/00	Z N A A 4 B 0 6 5
// (C 1 2 N 9/12			
C 1 2 R 1:92)			

審査請求 未請求 請求項の数13 O L (全 10 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号	特願平10-319241	(71) 出願人	000003160 東洋紡績株式会社 大阪府大阪市北区堂島浜2丁目2番8号
(22) 出願日	平成10年11月10日 (1998.11.10)	(72) 発明者	荒川 琢 福井県敦賀市東洋町10番24号 東洋紡績株 式会社敦賀バイオ研究所内
		(72) 発明者	西矢 芳昭 福井県敦賀市東洋町10番24号 東洋紡績株 式会社敦賀バイオ研究所内
		(72) 発明者	川上 文清 福井県敦賀市東洋町10番24号 東洋紡績株 式会社敦賀バイオ研究所内
			最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 変異型逆転写酵素

(57) 【要約】

【課題】従来よりもより高い温度域において反応できる、完全長のcDNAが取得するのに十分な伸長性の高い逆転写酵素を提供する。

【解決手段】野生型に比して、特に42～60℃の範囲で伸長性を向上せしめたモロニー Maus 白血病ウイルス (MMLV) に由来する変異型逆転写酵素。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 野生型に比して伸長性が向上したことを特徴とする変異型逆転写酵素。

【請求項2】 伸長性が42～60℃の範囲で向上した請求項1記載の変異型逆転写酵素。

【請求項3】 RNaseH活性を実質的に有していない請求項1または2に記載の変異型逆転写酵素。

【請求項4】 Tyr Met Asp Asp で表されるアミノ酸配列を含む請求項1～3のいずれかに記載の変異型逆転写酵素。

【請求項5】 モロニー Maus 白血病ウイルス (MMLV) に由来する請求項1～4のいずれかに記載の変異型逆転写酵素。

【請求項6】 配列番号1に記載されるアミノ酸配列からなる請求項5記載の変異型逆転写酵素。

【請求項7】 配列番号1に記載されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を含有することを特徴とするDNAフラグメント。

【請求項8】 配列番号2に記載されるヌクレオチド配列を含む請求項7記載のDNAフラグメント。

【請求項9】 請求項7または8に記載のDNAフラグメントをベクターに挿入したことを特徴とするDNA組換えベクター。

【請求項10】 請求項9記載のDNA組換えベクターを用いて形質転換されたことを特徴とする組換え宿主細胞。

【請求項11】 宿主細胞がエシェリヒア・コリ (Escherichia coli) である請求項10記載の組換え宿主細胞。

【請求項12】 請求項10または11に記載の組換え宿主を培養し、培養液から逆転写酵素を採取することを特徴とする変異型逆転写酵素の製造方法。

【請求項13】 請求項1～6のいずれかに記載の変異型逆転写酵素を用い、かつRNAを鋳型とすることを特徴とするcDNAの合成方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】 本発明は伸長性特に高温域での伸長性に優れた逆転写酵素、該逆転写酵素をコードする遺伝子および該遺伝子を使用する該逆転写酵素の製造方法ならびに該逆転写酵素を利用したcDNAの合成方法に関する。

【0002】

【従来の技術】 従来からレトロウイルス、特にモロニー Maus 白血病ウイルス (MMLV) やヒト後天性免疫不全ウイルス (HIV)、トリ骨髄芽症ウイルス (AMV) 由来の逆転写酵素については多くの研究がなされ、様々な機能、性質が知られてきている。加えて、RNAを鋳型としてこれに相補的なDNA (cDNA) を合成することができるという特徴的な性質により、多くの分

子生物学的手法、例えばcDNAライブラリーの構築、RT-PCRなどに用いられている。mRNAの塩基配列は、発現されている蛋白質のアミノ酸配列を反映していることから、その解析の意義は遺伝子産物の機能を知る上で非常に大きい。

【0003】 一方、これまでに報告されているレトロウイルス由来の逆転写酵素の多くが、DNA-RNAハイブリッド2本鎖のRNAを分解する活性、すなわちRNaseH活性を有することが知られている。この活性の存在は、cDNAを合成する際に鋳型-プライマー複合体の鋳型を分解し、その分解位置がプライマーの3'端に近い場合は、鋳型-プライマー複合体が解離されるため伸長性が低下するという結果を招く。このような問題を排除するため、実質的にRNaseH活性を有していない逆転写酵素が開発されてきた。

【0004】 モロニー Maus 白血病ウイルス (MMLV) 由来の逆転写酵素は、そのアミノ酸配列の相同性および様々な機能解析から、その蛋白質のC末端側約200残基がRNaseH活性を担うドメインであることが知られている (Reversetranscriptase, Cold Spring Harbor Monograph 第135～162頁、1993年)。現在、RNaseH活性を欠失したMMLV由来の逆転写酵素としては、RNaseHドメインのアミノ酸を削除したデリション型が東洋紡績から、アミノ酸の置換により機能を欠失した点変異型がスーパースクリプトIIという商品名でライフテクノロジー社から入手することが可能である。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】 しかしながら、これらの逆転写酵素をもってしても完全長のcDNAが取得できない場合がある。その理由としては、鋳型RNAの配列に起因する高次構造のため逆転写酵素の結合が阻害される、あるいは合成途上のDNA鎖の3'末端に鋳型RNAと相補的でないヌクレオチドが取り込まれ伸長反応が阻害されるといったことが考えられている。そのため、従来のものよりも、より高い温度域において反応できる伸長性の高い逆転写酵素の開発が待ち望まれていた。

【0006】

【課題を解決するための手段】 これまで報告されている逆転写酵素のアミノ酸配列はいくつかの共通の保存領域を有するが、その中でもTyr (タイロシン) -X-Asp (アスパラギン酸) -Asp (アスパラギン酸) で表される配列はほとんどの逆転写酵素に存在する。Xについては様々なバリエーションがあり、モロニー Maus 白血病ウイルス (MMLV) カリフラワーモザイクウイルス (CAMV) ではバリン、ヒト後天性免疫不全ウイルス (HIV)、ラウスサルコーマウイルス (RSV) ではメチオニンなどである。この領域は結晶構造解析などから2価金属イオンの結合部位として機能することが

知られており、酵素活性の発現に重要な役割を果たしている (Structure 第15巻、第879～892頁、1995年)。

【0007】さらに最近になって、Xのアミノ酸の種類がHIV由来の逆転写酵素の伸長性に大きく関与しているという報告がなされた。すなわち、HIV由来の逆転写酵素の野生型はXの位置にメチオニンをもつが、これをバリンあるいはスレオニンに変換すると、鋳型に対して誤ったヌクレオチドが取り込まれた (ミスインコーポレーションされた) 伸長鎖の3'端を伸長する能力が低下するという現象が報告されている (Nucleic Acids Research 第25巻、第3212～3217頁、1997年)。

【0008】本発明者らは、上記事情に鑑み鋭意検討の結果、MMLV由来の逆転写酵素にポイントミューテーションによる改良を加えることにより、野生型の該逆転写酵素に比して伸長性、耐熱性を向上することができることを見出し、本発明に到達した。その具体的な例としては、MMLV由来の逆転写酵素の584番目のアスパラギン酸をアスパラギンに置換するアミノ酸変異を加え、RNase H活性を欠失したものに、さらに上述の保存領域のXに相当する224番目のバリンをメチオニンに置換するアミノ酸変異を加えることにより、cDNA合成の伸長性が、従来の反応温度領域である42℃から従来は反応性に乏しかった60℃の間で向上せしめるものである。

【0009】すなわち、本発明は以下のような構成からなる。

(1) 野生型に比して伸長性が向上したことを特徴とする変異型逆転写酵素。

(2) 伸長性が42～60℃の範囲で向上した(1)の変異型逆転写酵素。

(3) RNase H活性を実質的に有していない(1)または(2)の変異型逆転写酵素。

(4) Tyr Met Asp Asp で表されるアミノ酸配列を含む(1)～(3)のいずれかの変異型逆転写酵素。

(5) モロニー Maus 白血病ウイルス (MMLV) に由来する(1)～(4)のいずれかの変異型逆転写酵素。

(6) 配列番号1に記載されるアミノ酸配列からなる(5)の変異型逆転写酵素。

(7) 配列番号1に記載されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を含有することを特徴とするDNAフラグメント。

(8) 配列番号2に記載されるヌクレオチド配列を含む(7)のDNAフラグメント。

(9) (7)または(8)のDNAフラグメントをベクターに挿入したことを特徴とするDNA組換えベクター。

(10) (9)のDNA組換えベクターを用いて形質転換されたことを特徴とする組換え宿主細胞。

(11) 宿主細胞がエシェリヒア・コリ (Escherichia coli) である(10)の組換え宿主細胞。

(12) (10)または(11)の組換え宿主を培養し、培養液から逆転写酵素を採取することを特徴とする変異型逆転写酵素の製造方法。

(13) (1)～(6)いずれかの変異型逆転写酵素を用い、かつRNAを鋳型とすることを特徴とするcDNAの合成方法。

【0010】

10 【発明の実施の形態】本発明における変異型逆転写酵素は、野生型に比してcDNA合成の伸長性が向上したことを特徴とするものである。特に42～60℃の範囲において、すなわち、従来の反応温度領域である42℃から、従来は反応性に乏しかった60℃までの間で向上したものである。ここで、逆転写酵素の伸長性とは、より長いcDNAを合成する能力のことをいう。また、変異型逆転写酵素とは、野生型逆転写酵素に対しアミノ酸の置換、欠失、挿入等の変異操作を行うことにより得られるものをいう。

20 【0011】本発明における変異型逆転写酵素は、好適にはRNase H活性を実質的に有していない。ここで、RNase H活性を実質的に有していないとは、逆転写活性1ユニットにつきRNase H活性 10^{-6} ユニット以下のものをいう。

30 【0012】本発明における逆転写酵素の好適な例としては、Tyr Met Asp Asp で表されるアミノ酸配列を含んでいる。該アミノ酸配列を有する逆転写酵素は、例えば、MMLV由来の逆転写酵素にアミノ酸変異を導入することにより得ることができる。本発明においてアミノ酸変異の導入は、当業者がなし得る方法であればいかなる方法でもよい。例えば、サイトディレクテッドミュータジェネシス法が挙げられる (Methods Enzymol. 第154巻、第382頁、1987年)。

40 【0013】本発明のDNAフラグメントは、伸長性の向上した変異型逆転写酵素をコードするDNAであり、該DNAフラグメントの一例は配列番号1に記載されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を含有する。また、このようなDNAは配列番号2に記載される塩基配列またはその一部分を含有する。

50 【0014】さらに本発明のDNA組換えベクターは、上記DNAフラグメントをベクターに挿入することにより得られるものである。該ベクターは、変異型逆転写酵素のクローニング及び発現を可能とするものであればいかなるものでもよく、例えばファージ及びプラスミドが挙げられる。プラスミドとしてはpUC118, pUC18, pBR322, pBluescript, pLED-M1, p73, pGW7, pET3a, pET8cなどが挙げられる。一方、ファージとしては例えば λ gt11, λ ZAPIIなどが挙げられる。

【0015】また本発明の組換え宿主細胞は、上記DN

A組換えベクターを用いて宿主細胞を形質転換することにより得られるものである。該宿主細胞としては、大腸菌、酵母などが挙げられ、特に大腸菌が好ましい。大腸菌としては、例えばエシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) DH5 α 、JM109、HB101、XL1Blue、PR1、HS641 (DE3)、BL21 (DE3) などが挙げられる。すなわち、本発明においては、上記の伸長性の向上した変異型逆転写酵素をコードする遺伝子を上記ベクターに挿入してDNA組換えベクターとし、さらに該組換え発現ベクターにて宿主細胞を形質転換する。

【0016】また、本発明における変異型逆転写酵素の製造方法は、上記組換え宿主細胞を培養し、培養液から逆転写酵素を採取することを特徴とする。該組換え宿主細胞の培養に使用する培地ならびに条件は常法に従う。具体例としては、伸長性の向上した変異型逆転写酵素遺伝子を含むプラスミドにより形質転換された大腸菌を、例えばTB培地にて培養することにより、該変異型逆転写酵素を得ることができる。

【0017】上記変異型逆転写酵素の精製方法としては、例えば、(a)組換え宿主を集めた後、破碎して、細胞抽出物を調製し、(b)宿主細胞由来の不純蛋白質を除去する工程を含む。組換え宿主細胞より産出された伸長性の向上した変異型逆転写酵素は、宿主菌体を培地で培養後、培養液から遠心分離等にて分離・回収する。該菌体を緩衝液に再懸濁した後、超音波処理、ダイノミル・フレンチプレス等により菌体を破碎する。

【0018】次いで、カラムクロマトグラフィーを実施し、伸長性の向上した変異型逆転写酵素を回収する。カラムクロマトグラフィーは、陽イオン交換体、例えばフォスフォセルロース、あるいは疎水性吸着体、例えばブチルセファロース、あるいはアフィニティー吸着体ヘパリンセファロースなどが好ましい。

【0019】上記のようにして取得した伸長性の向上した変異型逆転写酵素の分子量は、好ましくは約74kDaである。

【0020】本発明における変異型逆転写酵素を用いることにより、RNAを鋳型とし、より長いcDNAを合成することを可能とする。本発明における変異型逆転写酵素を用いて合成可能なcDNAの長さは、その反応条件等によっても異なるが、少なくとも9.4kb以上の伸長が可能であり、条件次第では従来の逆転写酵素を用いては実現出来なかった14kb以上の伸長も可能とする。本発明の変異型逆転写酵素を用いた場合、同一の条件で従来の野生型の逆転写酵素を用いた場合とその伸長性を対比した場合、2倍以上の伸長性を増大することができる。

【0021】

【実施例】以下、本発明を実施例により具体的に説明する。

【0022】実施例1 MMLV逆転写酵素への点突然変異の導入

野生型MMLV逆転写酵素発現プラスミドpRT30-2はコロンビア大学・ゴッフ教授より分譲入手した。

【0023】点突然変異の導入はトランスフォーマーキット(クロンテック製)を用い、説明書の指示に従って行った。2種の制限酵素選択プライマーおよび2種の変異導入プライマー(配列番号3、4、5、6)を合成した。配列番号3はベータラクタマーゼ遺伝子中のScaI部位をMluIに変換するプライマーである。配列番号4は上記で変換されたベータラクタマーゼ遺伝子中のMluI部位をScaIに変換するプライマーである。配列番号5はMMLV逆転写酵素遺伝子中の670番目のグアニンをアデニンに変換する(すなわち、アミノ酸配列の224番目のバリンをメチオニンに変換する)プライマーである。配列番号6はMMLV逆転写酵素遺伝子中の1750番目のグアニンをアデニンに変換する(すなわち、アミノ酸配列の584番目のアスパラギン酸をアスパラギンに変換する)プライマーである。

【0024】それぞれのプライマー200pmolを1mM ATP、5ユニット ポリヌクレオチドキナーゼ(東洋紡績製)を含むキナーゼバッファー中、37℃で30分間インキュベートし、5'末端をリン酸化した。その後、75℃で15分間インキュベートしてポリヌクレオチドキナーゼを失活させた。

【0025】pRT30-2 0.1 μ g、5'末端をリン酸化した配列番号3および6のプライマーをそれぞれ10pmol、上記キット添付のアニーリングバッファー2 μ lを含む20 μ lの溶液を、100℃で3分間インキュベートした後、直ちに5分間氷冷した。

【0026】これに蒸留水5 μ l、キット添付のシンセシスバッファー3 μ l、T4リガーゼ1 μ l、T4DNAポリメラーゼ1 μ lを加え、37℃で1時間インキュベートした後、75℃で15分間インキュベートし酵素を失活させた。これにHバッファー3 μ l、ScaI 20ユニットを加え37℃で2時間インキュベートした。

【0027】このうち1 μ lをエシェリヒア・コリBMH71-18株コンピテントセル100 μ lに加え、30分間氷冷した後、42℃で30秒間インキュベートし、900 μ lのSOC培地を加え37℃で1時間インキュベートした。これに50 μ g/mlのアンプシリンを含むLB培地5mlを加え、37℃で一晩インキュベートした。

【0028】上記のようにして得られた菌体から定法によりプラスミドを抽出し、そのうち50ngにScaI 10ユニット、Hバッファー2 μ lを加え全量を20 μ lとし、37℃で2時間インキュベートした。この反応液2 μ lをエシェリヒア・コリDH5 α コンピテントセルに加えて、定法に従い形質転換した。

【0029】上記のようにして得られたコロニーをLB

培地2. 5mlに懸濁し、一晚培養した後、定法に従いプラスミドを抽出した。このプラスミドがMluIで切断されるものについて塩基配列をサンガー法で確認し、MMLV逆転写酵素遺伝子中の1747番目のグアニンがアデニンに変換されている（すなわち、アミノ酸配列の584番目のアスパラギン酸がアスパラギンに変換されている）プラスミドpD584Nを取得した。

【0030】上記と同様にして、配列番号5のプライマーを用い、MMLV逆転写酵素遺伝子中の670番目のグアニンがアデニンに変換されている（すなわち、アミノ酸配列の223番目のバリンがメチオニンに変換されている）プラスミドpV224Mを取得した。

【0031】また、pD584Nをもとに配列番号4および5のプライマーを用い1750番目のグアニンがアデニンに変換され（すなわち、アミノ酸配列の584番目のアスパラギン酸がアスパラギンに変換されている）、かつ670番目のグアニンがアデニンに変換されている（すなわち、アミノ酸配列の224番目のバリンがメチオニンに変換されている）プラスミドpDNVMを取得した。

【0032】実施例2 形質転換体の作製

実施例1で得られた各プラスミド1ngをエシェリヒア・コリDH5 α 100 μ lに加え、30分間氷冷した後、42℃で30秒間インキュベートし、900 μ lのSOC培地を加え37℃で1時間インキュベートした。これを50 μ g/mlのアンピシリンを含むLB寒天培地上にて37℃で一晩インキュベートし、形質転換体を得た。

【0033】実施例3 形質転換体の培養

実施例2で得られた各形質転換体を100 μ g/mlのアンピシリンを含むTB培地100mlに懸濁し、37℃で一晩インキュベートした。得られた菌体を12,000回転/分で5分間遠心分離することにより回収した。

【0034】実施例4 MMLV逆転写酵素の精製

実施例3で得られたそれぞれの菌体について以下の操作*

蒸留水	12 μ l
5 \times 1st strand synthesis buffer	2.0 μ l (LifeTech製)
10mM dNTP	2.0 μ l
(α -32P) dTTP (370kBq/ μ l)	1.0 μ l
RNA Ladder	0.5 μ l (LifeTech製)
100pmol/ μ l (dT) 30	1.0 μ l
RNaseインヒビター (20units/ μ l)	0.5 μ l
逆転写酵素 (10units/ μ l)	1.0 μ l

【0038】比較のため、逆転写酵素は野生型、RNaseH欠失型（東洋紡績製）、Superscript II (LifeTech製) および実施例4で得られたV223M+D583Nを用いた。これを42℃、50℃、55℃、60℃で1時間インキュベートした。停止液 (20mM Tris-HCl (pH8.0)、10 \times 50

*を行った。菌体10gをバッファー1 (20mMトリス-塩酸 (pH7.5)、5mM EDTA、5mMメルカプトエタノール、100mM塩化ナトリウム) 20mlに懸濁した。これを超音波破砕機で破砕し、12000回転/分で10分間遠心分離することにより沈殿を分離した。得られた上清に0.6%ポリエチレンジアミン溶液を0.4ml添加し、30分間攪拌した。これを12000回転/分で10分間遠心分離することにより沈殿を分離し、上清を回収した。この液に硫酸アンモニウムを4.56g加え、30分間攪拌した。これを12000回転/分で10分間遠心分離することにより沈殿を分離し回収した。

【0035】得られた沈殿をバッファー2 (20mMトリス-塩酸 (pH7.5)、0.1mM EDTA、5mMメルカプトエタノール、50mM塩化ナトリウム、10%グリセロール) 5mlに溶解し、100mlのバッファー2に対して透析した。これをDEAEセファロースカラム (5ml) にチャージし、非吸着画分を回収した。これをフォスホセルロースカラム (5ml) にチャージし、10mlのバッファー2で洗浄後、0~500mM NaClのグラジエントバッファー2 40mlで溶出した。

【0036】得られたフラクションのうち、逆転写酵素活性を含みRNaseH活性を有していない画分をプールした。次いで、これをヘパリンセファロースカラム (3ml) に供し、0~1M NaClのグラジエントバッファー2により溶出し、逆転写酵素活性を含む画分を回収した。以上の操作により、SDS-PAGEにおいてほぼ単一なバンドを示す10mgの蛋白質を得た。pD584Nを有する菌体から得られた蛋白質をD584N、pV224Mを有する菌体から得られた蛋白質をV224M、pDNVMを有する菌体から得られた蛋白質をV224M+D584Nとした。

【0037】実施例5 cDNA合成伸長能力の比較
下記の組成物を調製した。

*mM EDTA、0.05%BPB、20%グリセロール) を4 μ l加えて反応終了後、アガロースゲルを用いて電気泳動を行った。ゲルドライヤーにてゲルを乾燥した後、オートラジオグラフィーを行った。その結果、V224M+D584Nで合成を行ったものは42℃から60℃の間で他の酵素に比べ、より長いcDNAの伸長

が観察された。

【0039】実施例6 RT-PCRによるcDNA合成伸長能力の比較

ヒトジストロフィンのmRNAは約14kbの長さを持つことが知られている。配列番号7に示されるオリゴヌクレオチドはこのmRNAの3'端に相補的に結合するように設計されている。このプライマーを用いてcDNA合成反応を行った後、配列番号8および9に示される*

*プライマーセットを用いPCRを行った。このプライマーセットはmRNAの5'端約400bpを増幅するように設計されており、cDNA合成が5'端まで到達していれば増幅が確認できる。

【0040】cDNA合成反応は以下の反応液を調製し、42℃で30分インキュベートすることにより行った。

【0041】

蒸留水	11μl
5×1st strand synthesis buffer	4.0μl (東洋紡績製)
10mM dNTP	2.0μl
ヒト骨格筋polyA+RNA (0.1μg/μl)	1.0μl (CloneTech 製)
プライマー配列番号7 (10pmol/μl)	1.0μl
逆転写酵素 (100units/μl)	1.0μl

【0042】PCRは以下の反応液を調製し、98℃で30秒、68℃で30秒の熱サイクルを30回繰り返す※

※ことにより行った。

【0043】

蒸留水	7.0μl
10×KOD dash buffer	2.0μl (東洋紡績製)
cDNA合成反応液	8.0μl
プライマー配列番号8 (10pmol/μl)	1.0μl
プライマー配列番号9 (10pmol/μl)	1.0μl
KOD dash (2.5units/μl)	1.0μl (東洋紡績製)

【0044】熱サイクル終了後、反応液5μlをアガロースゲル電気泳動に供し、増幅産物を検出した。その結果、図2に示されるようにV224M+D584NでcDNA合成を行ったものは増幅産物が確認され、約14kbのcDNAが合成されていることが示唆されたが、野生型およびスーパースクリプトIIにおいては増幅産物が観察されなかった。これよりV224M+D584Nはこれらの酵素に比べて、より長いcDNAの伸長が可能であることが示唆された。

★【0045】

【発明の効果】上述したように、本発明における伸長性の向上した変異型逆転写酵素は、42～60℃の間で野生型および従来のRNaseH欠失型の逆転写酵素に比べて、伸長性が向上しており、完全長cDNAを合成するのに適した酵素である(図1参照)。

【0046】

【配列表】

配列番号1

配列の長さ: 672 (アミノ酸)

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: タンパク質

配列

```

MET Thr Leu Asn Ile Glu Asp Glu His Arg Leu His Glu Thr Ser Lys
 1           5           10           15
Glu Pro Asp Val Ser Leu Gly Ser Thr Trp Leu Ser Asp Phe Pro Gln
          20           25           30
Ala Trp Ala Glu Thr Gly Gly MET Gly Leu Ala Val Arg Gln Ala Pro
        35           40           45
Leu Ile Ile Pro Leu Lys Ala Thr Ser Thr Pro Val Ser Ile Lys Gln
        50           55           60
Tyr Pro MET Ser Gln Glu Ala Arg Leu Gly Ile Lys Pro His Ile Gln
        65           70           75           80
Arg Leu Leu Asp Gln Gly Ile Leu Val Pro Cys Gln Ser Pro Trp Asn
          85           90           95
Thr Pro Leu Leu Pro Val Lys Lys Pro Gly Thr Asn Asp Tyr Arg Pro

```

1 1

	100	105	110
Val Gln Asp Leu Arg Glu Val Asn Lys Arg Val Glu Asp Ile His Pro			
115	120	125	
Thr Val Pro Asn Pro Tyr Asn Leu Leu Ser Gly Leu Pro Pro Ser His			
130	135	140	
Gln Trp Tyr Thr Val Leu Asp Leu Lys Asp Ala Phe Phe Cys Leu Arg			
145	150	155	160
Leu His Pro Thr Ser Gln Pro Leu Phe Ala Phe Glu Trp Arg Asp Pro			
165	170	175	
Glu MET Gly Ile Ser Gly Gln Leu Thr Trp Thr Arg Leu Pro Gln Gly			
180	185	190	
Phe Lys Asn Ser Pro Thr Leu Phe Asp Glu Ala Leu His Arg Asp Leu			
195	200	205	
Ala Asp Phe Arg Ile Gln His Pro Asp Leu Ile Leu Leu Gln Tyr MET			
210	215	220	
Asp Asp Leu Leu Leu Ala Ala Thr Ser Glu Leu Asp Cys Gln Gln Gly			
225	230	235	240
Thr Arg Ala Leu Leu Gln Thr Leu Gly Asn Leu Gly Tyr Arg Ala Ser			
245	250	255	
Ala Lys Lys Ala Gln Ile Cys Gln Lys Gln Val Lys Tyr Leu Gly Tyr			
260	265	270	
Leu Leu Lys Glu Gly Gln Arg Trp Leu Thr Glu Ala Arg Lys Glu Thr			
275	280	285	
Val MET Gly Gln Pro Thr Pro Lys Thr Pro Arg Gln Leu Arg Glu Phe			
290	295	300	
Leu Gly Thr Ala Gly Phe Cys Arg Leu Trp Ile Pro Gly Phe Ala Glu			
305	310	315	320
MET Ala Ala Pro Leu Tyr Pro Leu Thr Lys Thr Gly Thr Leu Phe Asn			
325	330	335	
Trp Gly Pro Asp Gln Gln Lys Ala Tyr Gln Glu Ile Lys Gln Ala Leu			
340	345	350	
Leu Thr Ala Pro Ala Leu Gly Leu Pro Asp Leu Thr Lys Pro Phe Glu			
355	360	365	
Leu Phe Val Asp Glu Lys Gln Gly Tyr Ala Lys Gly Val Leu Thr Gln			
370	375	380	
Lys Leu Gly Pro Trp Arg Arg Pro Val Ala Tyr Leu Ser Lys Lys Leu			
385	390	395	400
Asp Pro Val Ala Ala Gly Trp Pro Pro Cys Leu Arg MET Val Ala Ala			
405	410	415	
Ile Ala Val Leu Thr Lys Asp Ala Gly Lys Leu Thr MET Gly Gln Pro			
420	425	430	
Leu Val Ile Leu Ala Pro His Ala Val Glu Ala Leu Val Lys Gln Pro			
435	440	445	
Pro Asp Arg Trp Leu Ser Asn Ala Arg MET Thr His Tyr Gln Ala Leu			
450	455	460	
Leu Leu Asp Thr Asp Arg Val Gln Phe Gly Pro Val Val Ala Leu Asn			
465	470	475	480
Pro Ala Thr Leu Leu Pro Leu Pro Glu Glu Gly Leu Gln His Asn Cys			
485	490	495	
Leu Asp Ile Leu Ala Glu Ala His Gly Thr Arg Pro Asp Leu Thr Asp			

13

	500	505	510
Gln Pro Leu Pro Asp Ala Asp His Thr Trp Tyr Thr Asp Gly Ser Ser			
515	520	525	
Leu Leu Gln Glu Gly Gln Arg Lys Ala Gly Ala Ala Val Thr Thr Glu			
530	535	540	
Thr Glu Val Ile Trp Ala Lys Ala Leu Pro Ala Gly Thr Ser Ala Gln			
545	550	555	560
Arg Ala Glu Leu Ile Ala Leu Thr Gln Ala Leu Lys MET Ala Glu Gly			
565	570	575	
Lys Lys Leu Asn Val Tyr Thr Asn Ser Arg Tyr Ala Phe Ala Thr Ala			
580	585	590	
His Ile His Gly Glu Ile Tyr Arg Arg Arg Gly Leu Leu Thr Ser Glu			
595	600	605	
Gly Lys Glu Ile Lys Asn Lys Asp Glu Ile Leu Ala Leu Leu Lys Ala			
610	615	620	
Leu Phe Leu Pro Lys Arg Leu Ser Ile Ile His Cys Pro Gly His Gln			
625	630	635	640
Lys Gly His Ser Ala Glu Ala Arg Gly Asn Arg MET Ala Asp Gln Ala			
645	650	655	
Ala Arg Lys Ala Ala Ile Thr Glu Thr Pro Asp Thr Ser Thr Leu Leu			
660	665	670	

【0047】

配列番号2

配列の長さ：2019

配列の型：核酸（DNA）

鎖の数：2本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA

起源：Molony Murine Leukemia Virus

配列

```

ATG ACC CTA AAT ATA GAA GAT GAG CAT CGG CTA CAT GAG ACC TCA AAA 48
GAG CCA GAT GTT TCT CTA GGG TCC ACA TGG CTG TCT GAT TTT CCT CAG 96
GCC TGG GCG GAA ACC GGG GGC ATG GGA CTG GCA GTT CGC CAA GCT CCT 144
CTG ATC ATA CCT CTG AAA GCA ACC TCT ACC CCC GTG TCC ATA AAA CAA 192
TAC CCC ATG TCA CAA GAA GCC AGA CTG GGG ATC AAG CCC CAC ATA CAG 240
AGA CTG TTG GAC CAG GGA ATA CTG GTA CCC TGC CAG TCC CCC TGG AAC 288
ACG CCC CTG CTA CCC GTT AAG AAA CCA GGG ACT AAT GAT TAT AGG CCT 336
GTC CAG GAT CTG AGA GAA GTC AAC AAG CGG GTG GAA GAC ATC CAC CCC 384
ACC GTG CCC AAC CCT TAC AAC CTC TTG AGC GGG CTC CCA CCG TCC CAC 432
CAG TGG TAC ACT GTG CTT GAT TTA AAG GAT GCC TTT TTC TGC CTG AGA 480
CTC CAC CCC ACC AGT CAG CCT CTC TTC GCC TTT GAG TGG AGA GAT CCA 528
GAG ATG GGA ATC TCA GGA CAA TTG ACC TGG ACC AGA CTC CCA CAG GGT 576
TTC AAA AAC AGT CCC ACC CTG TTT GAT GAG GCA CTG CAC AGA GAC CTA 624
GCA GAC TTC CGG ATC CAG CAC CCA GAC TTG ATC CTG CTA CAG TAC ATG 672
GAT GAC TTA CTG CTG GCC GCC ACT TCT GAG CTA GAC TGC CAA CAA GGT 720
ACT CGG GCC CTG TTA CAA ACC CTA GGG AAC CTC GGG TAT CGG GCC TCG 768
GCC AAG AAA GCC CAA ATT TGC CAG AAA CAG GTC AAG TAT CTG GGG TAT 816
CTT CTA AAA GAG GGT CAG AGA TGG CTG ACT GAG GCC AGA AAA GAG ACT 864
GTG ATG GGG CAG CCT ACT CCG AAG ACC CCT CGA CAA CTA AGG GAG TTC 912
CTA GGG ACG GCA GGC TTC TGT CGC CTC TGG ATC CCT GGG TTT GCA GAA 960

```